

EVALUASI KERAGAMAN GENETIK SEMBILAN VARIETAS RAMBUTAN (*Nephelium lappaceum*) DENGAN MARKA RAPD

(Evaluation of Nine Rambutan (*Nephelium lappaceum*) Varieties Genetic Diversity Using RAPD Markers)

Yuliana Galih Dyan Anggraheni dan Enung Sri Mulyaningsih

Pusat Penelitian Bioteknologi-LIPI, Jl. Raya Bogor KM 46 Cibinong, Bogor 16911, Indonesia
e-mail: yuliana.galih@yahoo.com

Naskah diterima 25 Januari 2018, revisi akhir 21 Maret 2018 dan disetujui untuk diterbitkan 22 Maret 2018

ABSTRAK. Tingginya keragaman varietas rambutan menjadi salah satu potensi untuk mengembangkan varietas unggul baru. Akan tetapi, ketersediaan informasi keragaman genetik rambutan masih terbatas. Penggunaan teknik marka RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA) menjadi pilihan untuk analisis keragaman genetik tanaman karena cepat, mudah dan efisien. Tujuan penelitian ini adalah untuk mempelajari keragaman rambutan koleksi KPN (Kebun Plasma Nutfah) LIPI secara genotipik. Sembilan varietas rambutan digunakan dalam penelitian ini. Hasil analisis dengan menggunakan enam marka RAPD menghasilkan total pita 45. Hasil analisis polimorfisme menunjukkan keragaman antar varietas sebesar 56,6% dan nilai PIC (Polymorphic Information Content) sebesar 0,2-0,5. Dendogram UPGMA (Unweighted Pair Group Methode Arithmetic) membagi sembilan varietas rambutan dalam dua kelompok dengan indeks kesamaan sebesar 85-95%. Kelompok satu merupakan jenis varietas Si Nyonya sedangkan kelompok kedua terdiri dari varietas Rapih, Aceh Lebak, Unidentified, Binjai, Parakan, Si Macan, Aceh Pagar dan Lebak Bulus. Perbedaan kelompok ini diduga berkaitan dengan sifat kelekatan daging buah terhadap biji. Varietas Aceh Lebak memiliki kekerabatan paling dekat dengan varietas unidentified sebesar 95%.

Kata kunci: keragaman genetik, nilai PIC, penanda molekuler, pohon filogenetik, rambutan

ABSTRACT. High diversity of rambutan varieties is potensial to develop new improved rambutan varieties. Due to limitation of rambutan genetic diversity information, the usage of RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA) markers becomes an efficient option. This research aimed to study the diversity of rambutan from the collection of LIPI germplasm garden genotypically. Nine rambutan varieties were analyzed using six RAPD markers which generated 45 bands. Polymorphism analysis showed variation between varieties 56,6% and PIC (Polymorphic Information Content) value 0,2-0,5. UPGMA (Unweighted Pair Group Method Arithmetic) dendogram divided nine rambutan varieties in two groups with similarity index of 85-95%. First group was Si Nyonya varieties and the second group consist of Rapih, Aceh Lebak, Unidentified, Binjai, Parakan, Si Macan, Aceh Pagar and Lebak Bulus varieties. The group differences allegedly related to the stickiness of the flesh to the seed. Aceh Lebak varieties has the closest genetic relationship to unidentified varieties of 95%.

Keywords: genetic diversity, molecular marker, phylogenetic tree, PIC value, rambutan

1. PENDAHULUAN

Rambutan (*Nephelium lappaceum*) berasal dari Asia Tenggara (Indonesia dan Malaysia), buah ini berasal dari famili *Sapindaceae*. Rambutan memiliki

kandungan vitamin yang tinggi, sementara pada kulit dan bijinya mengandung senyawa fenolik tinggi sebagai bahan antioksidan (Nurhuda, *et al.*, 2013; Kuswandi, 2014; Mei, *et al.*, 2014). Buah

asli Indonesia ini mampu menggeser dominasi pasar buah impor di sejumlah wilayah di Jawa Barat. Adapun daerah produksi rambutan di Jawa Barat tersebar di 27 wilayah dengan sentra produksi di kabupaten Bogor, Subang, Bekasi dan Purwakarta. Berdasarkan data Dinas Pertanian dan Tanaman Pangan terdapat 16 dari 30 kecamatan di Kabupaten Subang yang menjadi areal perkebunan rambutan dengan total produksi sebanyak 305.269 kuintal pada tahun 2014 (Rukmana & Oesman, 2002; DISTAN, 2016). Namun, produksi rambutan menemui banyak kendala yang menyebabkan terjadinya fluktuatif hasil (tidak stabil). Hal ini disebabkan karena curah hujan yang tinggi mengakibatkan kualitas dan kuantitas rambutan menurun, yaitu buah kurang manis dan sedikit. Kendala lainnya menurut Abbey (2000) adalah sistem budidaya yang kurang optimal dan hal lain seperti kegagalan propagasi, serangan hama dan penyakit yang menyebabkan gagal panen.

Peningkatan mutu buah rambutan baik secara kualitas dan kuantitas dalam memenuhi kebutuhan pasar perlu ditingkatkan. Strategi agribisnis dalam pemenuhan konsumsi buah rambutan bagi pasar dapat dilakukan dengan penerapan teknologi modern mulai dari budidaya tanaman sampai dengan penanganan pasca panen (Rukmana & Oesman, 2002). Selain itu, pengembangan investasi rambutan perlu mempertimbangkan potensi berbagai varietas rambutan yang ada di Indonesia. Keragaman jenis *Nephelium* di dunia mencapai 22 spesies, dimana 16 spesies berasal dari Kalimantan. Sembilan spesies diantaranya menghasilkan buah yang dapat dimakan dan 8 spesies lainnya bersifat endemik (Kuswandi, *et al.*, 2014). Tingginya keragaman rambutan ini menjadi salah satu potensi untuk mengembangkan varietas unggul baru. Ketika varietas unggul dihasilkan, perlu ditunjang untuk penyediaan bibit secara massal dengan teknologi yang kompeten agar dapat disebarluaskan ke berbagai daerah.

Pada dasarnya, keragaman plasma nutfah erat kaitannya dengan sifat genetik

yang dibawanya. Sifat-sifat unggul dari suatu varietas dapat diturunkan pada generasinya sehingga dapat dihasilkan generasi tanaman yang tetap unggul. Namun untuk mengidentifikasi keunggulan tanaman dari jenis tanaman tahunan seperti rambutan, sangat sulit dilakukan apabila hanya mengandalkan karakter-karakter morfologi karena umur tanaman yang panjang. Oleh karena itu, diperlukan suatu terobosan identifikasi sifat dengan teknologi yang lebih modern. Salah satunya ialah dengan penggunaan teknologi marka molekuler DNA. Nuraida (2012) menyebutkan bahwa marka adalah suatu sifat yang dapat diturunkan pada keturunannya dan dapat berasosiasi dengan genotip tertentu. Melalui teknologi ini, identifikasi dapat dilakukan sejak generasi tanaman dalam fase bibit dan dapat menduga sifat tanaman secara utuh ketika dewasa. Selain untuk mengidentifikasi generasi hasil persilangan, teknologi ini juga dapat digunakan sebagai tahap awal untuk studi keragaman genetik dari suatu populasi tanaman sejenis yang berbeda. Putri, *et al.*, (2013) menambahkan, marka molekuler dapat menunjukkan perbedaan genetik pada tingkat yang lebih rinci tanpa dipengaruhi oleh faktor lingkungan dalam waktu yang cepat. Hasil dari keragaman ini akan memudahkan untuk merakit varietas baru yang secara genetik telah diketahui keunggulan sifatnya. Salah satu teknik studi keragaman genetik ialah dengan menggunakan marka RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*).

Studi keragaman tanaman buah dengan marka RAPD telah dilakukan pada beberapa jenis tanaman buah seperti: jambu (Cheong & Sanmukhiya, 2013), mangga (Rashed & Maklad, 2016), markisa (Crochemore, *et al.*, 2003), stroberi (Morales, *et al.*, 2011), pepaya (Sudha, *et al.*, 2013) dan rambutan (Napitu, *et al.*, 2016). Marka molekuler ialah sekuen DNA yang teridentifikasi, berada pada spesifik lokasi di genom yang berhubungan dengan sifat tertentu. Keuntungan dari pemakaian marka molekuler RAPD ialah memerlukan kuantitas DNA yang kecil dan mudah karena tidak memerlukan proses radioaktif,

blotting dan hibridisasi, serta dengan cepat dapat mendeteksi polimorfisme pada sejumlah lokus (Martida & Pharmawati, 2016; Jonah, *et al.*, 2011). Selain itu marka RAPD ideal digunakan untuk pemetaan genetik, pemuliaan tanaman, DNA *fingerprint* dan kegunaan lain dibidang genetika populasi (Salem, *et al.*, 2007).

Kebun Plasma Nutfah (KPN) Puslit Bioteknologi LIPI merupakan kebun koleksi tanaman buah-buahan lokal nusantara yang berlokasi di Jawa Barat. Kebun ini memiliki berbagai koleksi tanaman buah termasuk rambutan. Sebanyak sembilan varietas rambutan yang ada di dalam kebun ini berasal dari hasil eksplorasi rambutan di wilayah Jawa Barat. Akan tetapi informasi variasi genetik dan hubungan kekerabatan antar sembilan varietas belum pernah dilakukan. Oleh karena itu tujuan dari penelitian ini adalah untuk mempelajari keragaman rambutan koleksi KPN secara genotipik.

Informasi keragaman rambutan yang diperoleh bermanfaat dalam program pemuliaan tanaman untuk mendapatkan varietas unggul dan konservasi.

2. METODE PENELITIAN

Bahan penelitian rambutan berasal dari koleksi Kebun Plasma Nutfah-LIPI (Tabel 1), dari sembilan varietas koleksi KPN terdapat 1 varietas yang belum diketahui (*unidentified*). Menurut data koleksi KPN-LIPI, delapan varietas berasal dari tiga provinsi yaitu Jawa Barat, DKI dan Banten sedangkan varietas *unidentified* berasal dari daerah sekitar KPN (ditanam oleh sebagian besar penduduk sekitar). Sampel rambutan diambil dari bagian pucuk daun muda rambutan. Kegiatan penelitian dilakukan di Laboratorium Agronomi untuk Evaluasi Produk Bioteknologi-LIPI pada bulan Agustus-Desember 2017.

Tabel 1. Varietas rambutan yang digunakan dalam penelitian

No.	Varietas	Asal koleksi	Bentuk buah	Bentuk biji	Kelekatan daging buah dengan biji	Rasa
1	Si Nyonya	Bogor, Jabar	O	O	TM	MA
2	Rapih	Bogor, Jabar	G	R	M	MS
3	Binjai	Bogor, Jabar	G	OB	M	MS
4	Aceh Lebak	DKI, Jakarta	OV	OE	M	MAS
5	<i>Unidentified</i>	Bogor, Jabar	O/G/OV	O/R/OB/OE	M	MA/MS/MAS
6	Parakan	Tangerang, Banten	O	OE	M	MS
7	Si Macan	Bogor, Jabar	O	OE	M	MAS
8	Lebak Bulus	DKI, Jakarta	OV	O	M	MAS
9	Aceh Pagar	Bogor, Jabar	O	O	M	MA

Keterangan: O=*Oblong*, G=*Globose*, OV=*Ovoid*, R=*Roundish*, OB=*Obovoid*, OE=*Obovoid elongated*, TM=Tidak mengelotok, M= Mengelotok, MA=Manis asam, MS=Manis dan MAS=Manis agak asam.

Isolasi DNA Rambutan

Total DNA rambutan diisolasi dari daun segar dengan menggunakan metode CTAB (*Cetyl trimethyl ammonium bromide*) (Doyle & Doyle, 1987) yang telah dimodifikasi. Genomik DNA diisolasi dengan menggunakan 1 g pucuk segar yang dihaluskan dengan menggunakan nitrogen cair hingga menjadi serbuk. Serbuk dimasukkan dalam 2 mL tabung dan ditambah dengan 500 μ L *buffer* CTAB dengan 2% (v/v) PVP (*polyvinyl pyrrolidone*) dan 1% (v/v)

mercapthoetanol. Tabung diinkubasi dengan suhu 60°C selama 60 menit. Setelah diinkubasi, ditambahkan 500 μ L *chloroform:isoamyl alcohol* (24:1), dicampur perlahan dan disentrifugasi selama 10 menit dengan kecepatan 12.000 rpm. Supernatan dipindahkan ke dalam tabung 1,5 mL dan ditambahkan 30 μ L 3M *sodium acetate*. Tabung diinkubasi semalam pada suhu -20°C. Kemudian tabung disentrifugasi selama 10 menit pada kecepatan 12.000 rpm. *Pellet* dicuci menggunakan 600 mL etanol 70%

sebanyak dua kali dan dikeringkan pada suhu ruang selama 2-3 jam. *Pellet* kering ditambah dengan 30 μ L *nuclease free water* dengan *RNAse* (10 mg/mL) dan diinkubasi dalam inkubator selama 60 menit. Total DNA disimpan pada suhu -20°C dan dihitung konsentrasinya dengan menggunakan *Nano Photometer Implan*.

Amplifikasi DNA

DNA rambutian diamplifikasi dengan marka RAPD menggunakan mesin PCR (*Polymerase chain reaction*) *Eppendorf*. Reaksi PCR menggunakan KAPA TAG PCR KIT dengan total volume 10 μ L dengan komposisi: 1 μ L 10X KAPA *Buffer*; 0,3 μ L Mg (25 mM); 0,2 μ L dNTP (10 μ M) dan 0,4 μ L primer RAPD (10 μ M) yang terdiri dari 6 marka yaitu: OPS18 (5'-CTGGCGAACT-3'), OPK16 (5'-GACCGTCGAA-3'), OPS3 (5'-CAGAGGTCCC-3'), OPK7 (5'-AGCGAGCAAG-3'), OPK15 (5'-CTCCTGCCAA-3') dan OPK19 (5'-CACAGGCGGA-3') kemudian 0,04 μ L KAPA 2G *Taq polymerase* (5U/ μ L), 7,06 μ L dH₂O, dan 1 μ L DNA (100 ng/ μ L) sebagai cetakan. Program PCR yang digunakan yaitu pradenaturasi 93°C (3 menit); 35 kali siklus amplifikasi (denaturasi 92°C selama 30 detik, *annealing* pada 35°C selama 45 detik dan sintesis 72°C selama 1 menit). Pemanjangan primer dilakukan pada 72°C selama 10 menit.

Elektroforesis

Kegiatan *running* hasil PCR dilakukan dengan mesin elektroforesis *Cleaver* dengan daya 50 volt selama lebih kurang 2 jam dan menggunakan 2% agarose (*invitrogen*) yang diwarnai dengan 4% *SYBR DNA Stain*. Gel agarose kemudian divisualisasi pada mesin *Syngene G:Box Gel Image Analysis System*.

Analisis Data

Data visual elektroforegram diubah menjadi data *binner*. Analisis data indeks kesamaan dilakukan menggunakan NTSY Spc 2.02 dan UPGMA (*Unweighted Pair Group Methode Arithmetic*) digunakan

untuk analisis hubungan kekerabatan serta nilai PIC (*Polymorphic Information Content*) dihitung berdasarkan persamaan (1), dimana f_i adalah frekuensi pita yang teramplifikasi (Ruiz, *et al.*, 2000).

$$PIC = 2f_i(1 - f_i) \dots \dots \dots (1)$$

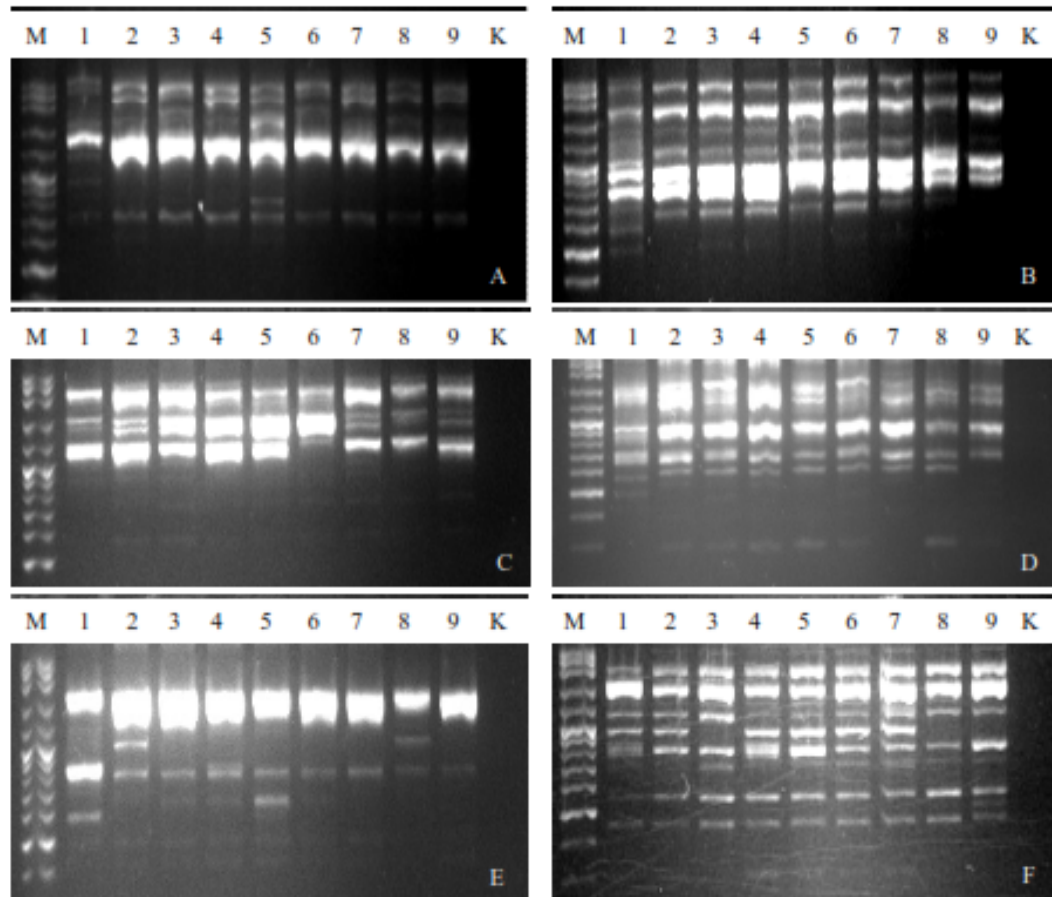
3. HASIL DAN PEMBAHASAN

Analisis genetik dengan marka RAPD digunakan untuk mempelajari variasi genetik dan hubungan kekerabatan antar sembilan varietas rambutian. Elektroforegram hasil amplifikasi enam marka RAPD pada suhu *annealing* 36°C menunjukkan keragaman (Gambar 1). Semangn, *et al.*, (2006) menyebutkan bahwa marka RAPD biasanya diamplifikasi pada suhu rendah berkisar antara $34-37^{\circ}\text{C}$, selain itu keberhasilan marka RAPD dalam melakukan amplifikasi dipengaruhi oleh kualitas dan kuantitas DNA, *buffer* PCR, konsentrasi magnesium klorida, suhu *annealing*, *tag polymerase* dan jenis mesin PCR yang digunakan. Penggunaan ragam sekuen urutan basa marka RAPD akan menghasilkan elektroforegram yang berbeda karena marka hanya mengamplifikasi satu lokus yang sesuai dengan urutan basa. Oleh karena itu dalam studi keragaman genetik dengan teknik marka diperlukan jumlah primer yang cukup banyak.

Penggunaan enam marka RAPD dalam penelitian ini menghasilkan produk pita yang jelas dan polimorfisme yang tinggi. Poerba & Martanti (2008) dalam penelitiannya mempelajari karakter genetik *Amorphophallus mueri* menggunakan 5 dari 12 marka yang diuji karena kelima marka tersebut memberikan pita amplifikasi yang tegas dan jelas serta menghasilkan pita DNA polimorfik. Pemilihan marka/primer untuk evaluasi keragaman genetik haruslah memiliki tingkat polimorfisme yang tinggi serta kemunculan DNA yang teramplifikasi jelas pada hasil elektroforesis (Tasma, 2014). Selain itu, penggunaan primer yang beragam berpeluang mendapatkan produk amplifikasi (pita) dari sejumlah lokus dalam genomnya. Hal ini didukung oleh

pernyataan Kumari & Thakur (2014) yang menyebutkan marka RAPD dapat mendeteksi polimorfisme urutan nukleotida dalam DNA tanaman dengan hanya menggunakan satu sekuen primer saja. Selain itu, teknik RAPD sangat efektif dan efisien dalam mendeteksi polimorfisme urutan DNA dalam jumlah lokus yang sangat besar.

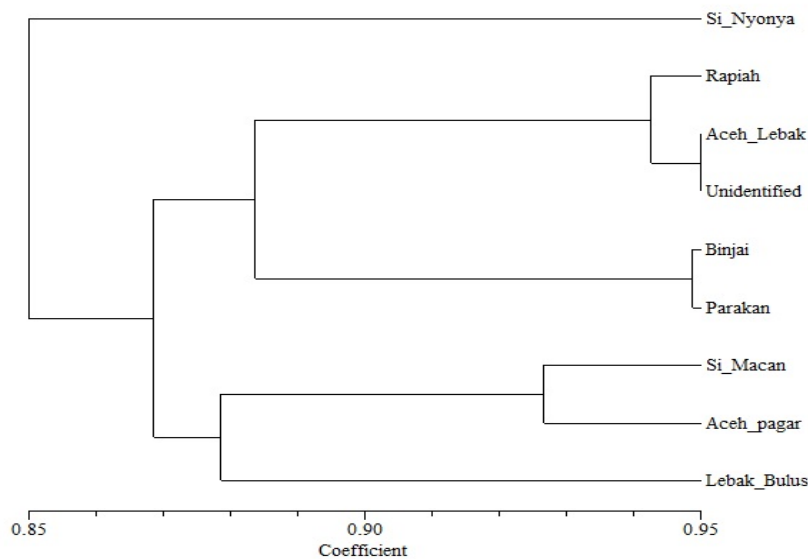
Hasil skoring pita berdasarkan gel elektroforesis (Tabel 2) diperoleh total 45 pita. Jumlah pita yang teramplifikasi beragam antara 5 sampai 10 pita untuk setiap primer. Enam marka RAPD menunjukkan tingkat polimorfisme antar varietas sebesar 56,6% yang dihasilkan dari 26 total pita polimorfis.



Gambar 1. Elektroforegram sembilan varietas rambutan dengan menggunakan marka RAPD: (A) OPS18, (B) OPK16, (C) OPS3, (D) OPK7, (E) OPK19 dan (F) OPK15.

Tabel 2. Hasil analisis keragaman genetik sembilan varietas rambutan dengan marka RAPD

No.	Marka RAPD	Pita Monomorfik	Pita Polimorfik	Total Pita	% Polimorfis	PIC
1	OPS18	4	3	7	43	0,5
2	OPK16	4	6	10	60	0,5
3	OPS3	2	2	4	50	0,2
4	OPK7	3	7	10	70	0,5
5	OPK15	4	5	9	56	0,3
6	OPK19	2	3	5	60	0,5
Total		19	26	45	339	2,5
Rerata		3,17	4,33	7,5	56,5	0,42



Gambar 2. Pohon filogenetik sembilan varietas rambutan berdasarkan enam marka RAPD

Nilai PIC yang menggambarkan tingkat keinformatifan marka berkisar antara 0,2-0,5 dengan rerata 0,42, sedangkan pada tanaman lain seperti *rye* yang dianalisis dengan lima marka RAPD menghasilkan total pita 43 dengan rerata sebesar 8,6 dan nilai PIC antara 0,8-0,9 (Petrovicova, *et al.*, 2014). Pada buncis, penggunaan 15 marka RAPD menghasilkan total pita 171 dengan rerata 11,4 dan nilai PIC antara 0,17-0,32 (Zargar, *et al.*, 2016). Menurut Avval (2017), nilai PIC bervariasi antara 0-1, nilai PIC yang tinggi menunjukkan tingkat heterozigositas dalam populasi yang tinggi pula (beragam). Marka/primer yang menunjukkan nilai PIC yang tinggi dianggap informatif dan dapat dipilih untuk digunakan sebagai marka determinasi variasi genetik tanaman (Singh & Malik, 2012; Avval, 2017).

Pohon filogenetik berdasarkan enam marka RAPD dengan jelas memisahkan sembilan varietas rambutan dalam beberapa kelompok. Dendrogram UPGMA membagi sembilan varietas rambutan dalam dua kelompok besar. Kelompok pertama ialah Si Nyonya yang secara genetik memiliki hubungan kekerabatan paling jauh dari delapan varietas lainnya. Menurut data koleksi KPN, Si Nyonya memiliki struktur buah yang tidak mudah mengelupas sehingga daging buah menempel erat dengan bijinya, sedangkan

delapan varietas lainnya, daging buahnya mudah terkelupas. Hal ini menjadi informasi tambahan yang dapat mendukung hasil pohon filogenetik yang menunjukkan kekerabatan varietas Si Nyonya yang jauh dari varietas rambutan lainnya. Perbedaan mencolok itu diduga berkaitan dengan sifat daging buah yang menempel erat pada biji. Kelompok kedua terdiri dari Rapih, Aceh Lebak, *Unidentified*, Binjai, Parakan, Si Macan, Aceh Pagar dan Lebak Bulus. Varietas Aceh Lebak dan *Unidentified* dalam kelompok kedua memiliki hubungan kekerabatan yang paling dekat sebesar 95%. Berdasarkan data tersebut diduga varietas *Unidentified* merupakan varietas Aceh Lebak. Namun demikian masih perlu pembuktian yang lebih detail atau dengan menggunakan banyak parameter lainnya (karakter fenotipik). Kesamaan genetik antar varietas yang diuji bervariasi antara 85-95%. Ediwirman & Mansya (2011) melaporkan dalam karakterisasi *Nephelium mutabile* di kawasan Sumatera Barat dengan menggunakan 3 primer RAPD menghasilkan indeks kesamaan sebesar 88-100%. Puhili, *et al.*, (2016) juga melaporkan keragaman *Nephelium ramboutan-ake* di Bogor dengan menggunakan 2 marka menghasilkan indeks kesamaan sebesar 52-100%.

4. KESIMPULAN

Keragaman genetik sembilan varietas rambutan dengan menggunakan marka RAPD menghasilkan dua kelompok. Varietas Aceh lebak dan varietas yang tidak diketahui jenisnya (*unidentified*) memiliki hubungan kekerabatan paling dekat dengan indeks kesamaan sebesar 95% dan varietas Si Nyonya merupakan varietas rambutan yang kekerabatannya paling jauh dari delapan varietas lainnya. Perbedaan kelompok ini diduga berkaitan dengan sifat kelekatan daging buah terhadap biji.

Marka RAPD efektif digunakan dalam kegiatan evaluasi sembilan keragaman varietas rambutan yang diuji. Akan tetapi perlu dilakukan penambahan jumlah marka RAPD sehingga data yang dihasilkan dapat mewakili keragaman genetik rambutan lebih lengkap. Selain itu, penambahan analisis fenotipik dapat menjadi informasi tambahan yang berguna dalam mempelajari keragaman rambutan.

UCAPAN TERIMA KASIH

Penelitian ini dibiayai oleh DIPA Pusat Penelitian Bioteknologi LIPI TA 2017. Ucapan terima kasih disampaikan pada Oktri Yurika, Amd dan staf Kebun Plasma Nutfah Puslit Bioteknologi LIPI yang telah membantu dan terlibat dalam penelitian ini.

DAFTAR PUSTAKA

Abbey, L. (2000). Notes on Importance and Prospects of Rambutan (*Nephelium lappaceum* L.): A Leser-kown Fruit Crop in Ghana. *Ghana Journal Agriculture Science*, 33, 95-98.

Avval, S.E. (2017). Assessing polymorphism information content (PIC) using SSR molecular markers on local species of *Citrullus colocynthis*. Case study: Iran, Sistan-Balouchestan province. *Journal of Molecular Biology Research*, 7(1), 42-49.

Cheong, M.L.S. & Sanmukhiya, V.M.R. (2013). Phylogeny of *Syzygium* species using morphological, RAPD and ISSR markers. *International Journal of Agriculture and Biology*, 15, 511-516.

Crochemore, M.L., Molinari, H.B.C. & Vieira, L.G.E. (2003). Genetic diversity in Passion Fruit (*Passiflora spp.*) evaluated by RAPD. *Brazilian Archives of Biology and Technology*, 46, 521-527.

DISTAN. (2016). Jumlah tanaman akhir buah rambutan. Retrieved September 30, 2016, from <http://distan.jabarprov.go.id/index.php/ages/detail/2235-produksi-buah-rambutan/1925/2918>.

Doyle, J.J. & Doyle, J.L. (1987). A rapid DNA isolation from small amount of fresh leaf tissue. *Phytochem Bull*, 19, 11-15.

Ediwirman & Mansya, E. (2011). Karakterisasi kapulan (*Nephelium mutabile*) berbasis PCR_RAPD di Sumatera Barat. *Jurnal Embrio*, 4(1), 66-73.

Jonah, P.M., Bello, L.L., Lucky, O., Midau, A. & Moruppa, S.M. (2011). Review: The importance of molecular markers in plant breeding programmes. *Global Journal of Science Frontier Research*, 11(5), 4-12.

Kumari, N. & Thakur, S.K. (2014). Randomly amplified polymorphic DNA-A brief review. *American Journal of Animal and Veterinary Sciences*, 9(1), 6-13.

Kuswandi, Sobir & Suwarno, W.B. (2014). Analisis Keragaman dan Keragaan Plasma Nutfah Rambutan (*Nephelium lappaceum* L.) Di Indonesia. *Jurnal Hortikultura*, 24(4), 289-298.

Martida, V. & Pharmawati, M. (2016). Pemilihan primer RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*) pada PCR (*Polymerase Chain Reaction*) tanaman kamboja (*Plumeria sp.*). *Jurnal Simbiosis*, 1, 16-18.

Mei, W.S.C., Ismail, A., Esa, N.M., Akowuah, G.A., Wai, H.C. & Seng, Y.H. (2014). The Effectiveness of Rambutan (*Nephelium lappaceum* L.) Extract in Stabilization on Sunflower Oil Under Accelerated Conditions. *Antioxidants*, 3, 371-386.

Morales, R.G.F., Resende, J.T.V., Faria, M.V., Andrade, M.C., Resende, L.V., Delatorre, C.A. & Silva, P.R. (2011). Genetic similarity among strawberry cultivars assessed by RAPD and ISSR markers. *Scientia Agricola*, 68, 665-670.

Napitu, C.S.P.L., Chikmawati, T. & Djuita,

- N.R. (2016). Keberagaman genetik kerabat rambutan liar (*Nephelium spp.*) di kabupaten Sangau, Kalimantan Barat berdasarkan marka RAPD dan ISSR. *Floribunda*, 5, 115-125.
- Nuraida, D. (2012). Pemuliaan Tanaman Cepat dan Tepat Melalui Pendekatan Marka Molekuler. *El-Hayah*, 2(2), 97-103.
- Nurhuda, H.H., Maskat, M.Y., Mamot, S., Afiq, J. & Aminah, A. (2013). Effect of Blancing on Enzyme and Antioxidant Activities of Rambutan (*Nephelium lappaceum*) Peel. *International Food Research Journal*, 20(4), 1725-1730.
- Petrovicova, L., Balazova, Z., Galova, Z., Wojck-Jagla, M. & Rapacz, M. (2014). RAPD analysis of the genetic polymorphism in the collection of Rye cultivars. *International Journal of Biological, Biomolecular, Agricultural, Food and Biotechnological Engineering*, 8(7), 664-668.
- Poerba, Y.S. & Martanti, D. (2008). Keragaman Genetik berdasarkan Marka Random Amplified Polymorphic DNA pada *Amorphophallus muelleri* Blume di Jawa. *Biodiversitas*, 9(4), 245-249.
- Puhili, A.L., Chikmawati, T. & Djuati, N.R. (2016). Evaluation of Pulasan (*Nephelium ramboutan-ake*) genetic diversity in Bogor, West Java, using microsatellite markers. *The Journal of Tropical Life Science*, 6, 184-189.
- Putri, L.A.P., Mahyuni, K.H., Basyuni, M. & Setyo, I.E. (2013). Analisis Awal: Pemakaian Marka Molekuler RAPD untuk Pendugaan Keragaman Genetik Plasma Nutfah Aren Sumatera Utara. *Prosiding Seminar Nasional Agroforestri*.
- Rashed, M.A. & Maklad, M.F. (2016). Genetic relationship among six mango (*Mangifera Indica* L.) cultivars using RAPD markers. *Egyptian Journal Genetics and Cytology*, 45, 105-112.
- Ruiz, R., Dendauw, J., Bockstaele, E.V., Dipicker, A. & Loose, M.D. (2000). ALFP markers reveal high polymorphic rates in rygrasses (*Lolium spp.*). *Journal of Molecular Breeding*, 6, 125-134.
- Rukmana, R.H. & Oesman, Y.Y. (2002). *Rambutan Komoditas Unggulan dan Prospek Agribisnis*. Jogjakarta: Kanisius.
- Salem, H.H., Ali, B.A., Huang, T.H., Qin, D.N., Wang, X.M. & Xie, Q.D. (2007). Use of random amplified polymorphic DNA analysis for economically important food crops. *Journal of Integrated Plant Biology*, 49(12), 1670-1680.
- Semangn, K.'Bjornstad, A. & Ndjiondjop, M.N. (2006). An overview of molecular marker methods for plants. *African Journal of Biotechnology*, 5(25), 2540-2568.
- Singh, M. & Malik, C.P. (2012). Assesment of genetic diversity in *Verbesina encelioides* population using randomly amplified polymorphic DNA (RAPD) markers. *International Journal of Scientific & Technology Research*, 1(4), 1-8.
- Sudha, R., Singh, D.R., Sankaran, M., Singh, S., Damodaran, V. & Simachalam, P. (2013). Genetic diversity analysis of papaya (*Carica papaya* L.) genotypes in Andaman islands using morphological and molecular markers. *African Journal of Agriculture Research*, 8(41), 5187-5192.
- Tasma, I.M. (2014). Skrinning Marka SSR untuk Analisis Diversitas Genetik Aksesori Kelapa Sawit. *Buletin Palma*, 15(1), 1-13.
- Zargar, S.M., Farhat, S., Mahajan, R., Bhakhari, A. & Sharma, A. (2016). Unraveling the efficiency of RAPD and SSR markers in diversity analysis and population structure estimation in common bean. *Saudi Journal of Biological Sciences*, 23, 139-149.